

Figure 1

```

1
SEQ ID NO:2 -----60
SEQ ID NO:4 MGQ-CYKGKASGRTADDEGGVTEHQSPPPANGLPSTPPRQQAQAQAQQVGTPRRRGSKS
SEQ ID NO:6 -----
SEQ ID NO:8 -----
SEQ ID NO:17 MGNTCVGPSITMNGFFQSVSTAL-WKTPQEGDALPAAANGPGGPAGA-----GSQS
SEQ ID NO:18 MGQ-CYKGKARGASSRAD-----HDADPSGAG-SVAPPSPLPANGAPLPATPRRH--KS
SEQ ID NO:19 MGI-CHGKPVEQQSKS-----LPVSGETNEAPTNSQPPAK-----

61
SEQ ID NO:2 -----120
SEQ ID NO:4 GSTTPGHQ-----TPGVA-WPSYPSPGGASPLPAGVSPSPA-----RSTPRRFFKRPFPF
SEQ ID NO:6 -----NPSXLPSWFKNSPSSNSNPSSXPLXIFKXPFPF
SEQ ID NO:8 -----
SEQ ID NO:17 ALPKPASDVHHVAVQSEAPEPVKIAAYHSEPAPAVRSEAPEPVKIAASHSE-----PA
SEQ ID NO:18 GSTTPVHH-HQAATPGAAAWPSYPAGGASPLPAGVSPSPA-----RSTPRRFFKRPFPF
SEQ ID NO:19 -----SSGFFFYSPSPVPSLFKSSPSVSSSVSSTPLRIFKRPFPF

121
SEQ ID NO:2 -----180
SEQ ID NO:4 PSPAKHIKATLAKRLGGGKPKEGTIPEEGVGAGGGGG-----GAADGAETERPLDKT
SEQ ID NO:6 PSPAKHIRALLARXHGSVKPNEASIPE-----ASXCELGLDKS
SEQ ID NO:8 -----
SEQ ID NO:17 PMAAKP-----GGAAANASPSPSRPRPQVKRVSSAGLLGVS
SEQ ID NO:18 PSPAKHIKATLAKRLGGGKPKEGTIPEEGGAGAGAGAGAGAAVGAADSAEADRPLDKT
SEQ ID NO:19 PSPAKHIRAFLARRYGSVKPNEVSIPE-----GKECEIGLDKS

181
SEQ ID NO:2 -----240
SEQ ID NO:4 LKRRTENLKD KYSLGRR LGQGQFGT TYLCVERAT-----GKEFACKSILKX-LVTDD DVE
SEQ ID NO:4 FGF-SKNFGAKYELGKEVGRGHFG--HTCSAVVKKGEYKGQTVAVKIIAKAMTTAISIE
SEQ ID NO:6 FGF-AKQFSAHYELSDEXGRGHFG--YTCSAKGKKGAFKGLNVAVKVIPKAMTTAIAIE
SEQ ID NO:8 -----
SEQ ID NO:17 LRRKTENLKD KYSLGRR LGQGQFGT THLCVERAT-----GKELACKSILKRKLGSDD DVE
SEQ ID NO:18 FGF-AKNFGAKYDLGKEVGRGHFG--HTCSAVVKKGEHKGHTVAVKIIISKAMTTAISIE
SEQ ID NO:19 FGF-SKQFASHYEIDGEVGRGHFG--YTCSAKGKKGSLKGQEVAVKVIPKSKMTT AIAIE

241
SEQ ID NO:2 -----300
SEQ ID NO:4 DVRREIQIMHHLAGHPNVISIRGAYEDAVAV-----
SEQ ID NO:6 DVRREV KILRALSGHNNLVKFYDACEDGLNVYIVMELCEGGELLD RILARGGRYTEEDAK
SEQ ID NO:8 -----ELLDKILARGGKYSEEDAK
SEQ ID NO:17 DVRREIQIMHHLAGHP SVVGIRGAYEDAVAVHLMELCGGGELFDRIVRRG-HYTERKAA
SEQ ID NO:18 DVRREV KILKALSGHDNLVRFYDACEDALNVYIVMELCEGGELLD RILARGGRYTEEDAK
SEQ ID NO:19 DVSREV KMLRALTG HKNLVQFYDAFEDDENVYIVMELCKGGELLDKILQRGGKYSEDDAK

301
SEQ ID NO:2 -----360
SEQ ID NO:4 AIVVQILSVVAFCHLQG VVHRDLKPENFLFTTRDENAPMKLIDFGLSDFIRPDERLNDIV
SEQ ID NO:6 -----
SEQ ID NO:8 VVMLQILSVVSFCHLQG VVHRDLKPENFLFSSKEENSPLKVIDFGLSDFVKPDERLNDIV
SEQ ID NO:17 ELARVIVGVVEACHSMGMHRDLKPENFLFADHSEEAALKTIDFGLSIFFRPGQIFTDV
SEQ ID NO:18 AIIIVQILSVVAFCHLQG VVHRDLKPENFLFTTRDESAPMKLIDFGLSDFIRPDERLNDIV
SEQ ID NO:19 KVMVQILSVVAYCHLQG VVHRDLKPENFLFSTKDETSPLKAIDFGLSDYVKPDERLNDIV

```

Figure 1 (cont'd.)

	361	420
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	GSAYYVAPEVLHRSYSMEADIWSIGVITYILLCGSRPFWARTESGIFRSVLRADPNFDDS	
SEQ ID NO:6	-----	
SEQ ID NO:8	GSAYYVAXEVLHRSYGTEGDMXSIGVIAYILL-----	
SEQ ID NO:17	GSPYYVAPEVLKKRYGPEADVWSAGVITYILLCGVPPFWAENEQGIFEEVLHGRLD FESE	
SEQ ID NO:18	GSAYYVAPEVLHRSYSMEADIWSIGVITYILLCGSRPFWARTESGIFRSVLRADPNFDDS	
SEQ ID NO:19	GSAYYVAPEVLHRTYGTEADMWSIGVIAYILLCGSRPFWARTESGIFRAVLKAEPNFEEA	
	421	480
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	PWPTVSAEAKDFVKRFLNKDYRKRM TAVQAL THPWLR-DEQR-QIPLDILIFRLIKQYLR	
SEQ ID NO:6	-----	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	PWPSISDGAKDLVRRMLVRDPRKRLTAHEVLRHPWVQVGGVAPDRPLDSAVLSRMKQFSA	
SEQ ID NO:18	PWPSVSAEAKDFVKRFLNKDYRKRM TAVQAL THPWLR-DEQR-QIPLDILIFRLVKQYLR	
SEQ ID NO:19	PWPSLSPEAVDFVKRLLNKDYRKRLTAAQALCHPWLV-GSHELKIPSDMIYKLVKVYIM	
	481	540
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	ATPLKRLALKALS KALREDELLYLKLQFKLLEP-RDGFVSLDNFRTALTRYLTDAMKESR	
SEQ ID NO:6	-----	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	MNKLKMMALRVIAENLSEDEIAGLREMFKMIDADNSGQITFEELKVGLEKVGAN-LQESE	
SEQ ID NO:18	ATPLKRLALKALS KALSEDELLYLRLQFKLLEP-RDGFVSLDNFRTALTRYSTDAMRESR	
SEQ ID NO:19	STSLRKSALAALAKTLTVPQLAYLREQFTLLGPSKNGYISMQNYKTAILKSSTDAMKDSR	
	541	600
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	VLEFLHALEPLAYRRMDFEEFCAA AISPYQLEALERWEEIAGTAFQQFEQEGNRVISVEE	
SEQ ID NO:6	-----	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	IYALMQAADVDNNGTIDYGEFIAATL---HLNKVER-EDHLFAAFQYFDKDGSGYITADE	
SEQ ID NO:18	VLEFQHALEPLAYRKMDFEFCAA AISPYQLEALERWEEIAGTAFQHFEQEGNRVISVEE	
SEQ ID NO:19	VDFDVHMISSCLQYKKLDFEEFCASALSVYQLEAMETWEQHARRAYELFEKDGNRPIMIEE	
	601	660
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	LA---QELNLAPTH--YSIVQDWIRKSDGKLNFLGFTKFLHGV TIRGSNTRR-----	
SEQ ID NO:6	-----	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	LQVACEEFG LGDVQ-LEDLIGEVDQDNDGRIDYNEFVAMMQKPTVGGSSRRRPICRTASAS	
SEQ ID NO:18	LA---QELNLAPTH--YSIVQDWIRKSDGKLNFLGFTKFLHGV TIRGSNTRR-----	
SEQ ID NO:19	LA---SELGLGPSVPVHVVLQDWIRHSDGKLSFLGFVRL LHGVSSR--TLQK-----	
	661	690
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	-----H	
SEQ ID NO:6	-----D	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	GSASGSGRRSGWPRPLCLWLPCCLRVGVDD	
SEQ ID NO:18	-----H	
SEQ ID NO:19	-----A	

Figure 2

```

1
SEQ ID NO:10 M-----ASVGVARSSSLGFQN--GTSSSSDPDRLPNELGSMISIRDDKDVE
SEQ ID NO:12 M-----GSVXVAPSGLNSSXTSMGA----EKLDPQMHDLKIRDDKEXE
SEQ ID NO:14 MVFEQQQLKEKRDSAKMTSVGVAPTS-GLREASGHGAAGVDR-LPEEMNDMKIRDDREME
SEQ ID NO:16 M-----E-----HPAPAPEPMLLDEQPPTAVACE-----KKQQDGE
SEQ ID NO:21 M-----ASVGIAPNP-GARD-----STGVDK-LPEEMNDMKIRDDKEME
SEQ ID NO:22 M-----MASGGVAPAS-GFIDK-NASSVGVEK-LPEEMNDMKIRDDKEME
SEQ ID NO:23 M-----ASVGVAPTS-GFREVLGDGEIGVDDILPEEMSDMKIRDDREME
SEQ ID NO:24 M-----ASLPLGPQPHALAPPLQLHDGDALKRRPE-----LDS DKEMS

61
SEQ ID NO:10 D-IVVNGNGAEPGHIIVTSIDGRNGQAKQTISYMAERVVGHGSFGTVFQAKCLETGETVA
SEQ ID NO:12 XXTIINXXGTEXGHIIVTTTGGXNGXPXKTVSYMAXRIVGQGSFGIVFQAKFWROGETVA
SEQ ID NO:14 A-TVVDGNGTETGHIIVTTIGGRNGQPKQTISYMAERVVGHGSFGVVFQAKCLETGETVA
SEQ ID NO:16 AP-YAEGNDAMTGHIIISTTIGKNGEPKQTISYMAERVVGTGSFGIVFQAKCLETGEMVG
SEQ ID NO:21 A-TVVDGNGTETGHIIVTTIGGRNGQPKQTISYMAERVVGHGSFGVVFQAKCLETGETVA
SEQ ID NO:22 AATIVDNGTETGHIIVTTIGGKNGQPKQTISYMAERVVGHGSFGVVFQAKCLETGETVA
SEQ ID NO:23 A-TVVDGNGTETGHIIVTTIGGRNGQPKQTISYMAERVVGHGSFGVVFQAKCLETGETVA
SEQ ID NO:24 AA-VIEGNDAVTGHIIISTTIGGKNGEPKQTISYMAERVVGTGSFGIVFQAKCLETGESVA

121
SEQ ID NO:10 IKKVLQDKRYKNRELQTMRLDHPNVVALKHCFFSKTEKEELYLNVLVLEYVPETAHRVIK
SEQ ID NO:12 IKXVL-----
SEQ ID NO:14 IKKVLQDKRYKNRELQTMRLDHPNVVALKHCFFSSTTEKDELYLNVLVLEYVPETVNRVIK
SEQ ID NO:16 IKKVLQDRRYKNRELQLMRSMIHSNVVSLKHCFFSSTTSRDELFLNLVMEYVPETLYRVLK
SEQ ID NO:21 IKKVLQDRRYKNRELQTMRLDHPNVVSLKHCFFSSTTEKDELYLNVLVLEYVPETVHRVIK
SEQ ID NO:22 IKKVLQDKRYKNRELQTMRLDHPNVVSLKHCFFSSTTEKDELYLNVLVLEYVPETVSRVIR
SEQ ID NO:23 IKKVLQDKRYKNRELQTMRLDHPNVVSLKHCFFSSTTEKDELYLNVLVLEYVPETVHRVIK
SEQ ID NO:24 IKKVLQDRRYKNRELQLMRPM DHPNVISLKHCFFSSTTSRDELFLNLVMEYVPETLYRVLR

181
SEQ ID NO:10 HYNKMNQRMPLIYAKLYMYQICRALAYIHNSIGVCHRD IKPQNLLVNPHTHQLKLCDFGS
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:14 HYNKFNQRMPLIYVKLYTYQIFRALSYIHRCIGVCHRD IKPQNLLVNPHTH QVKLCDFGS
SEQ ID NO:16 HYSNANQGMPLIYVKLYMYQLFRGLAYVHTVPGVCHRDV KPNVLVDPLTHQVKICDFGS
SEQ ID NO:21 HYNKLNQRMPLIYVKLYTYQIFRALSYIHRCIGVCHRD IKPQNLLVNPHTH QVKLCDFGS
SEQ ID NO:22 HYNKMNQRMPLIYVKLYSYQICRALAYIHNSIGVCHRD IKPQNLLVNPHTH QLKICDFGS
SEQ ID NO:23 HYSKLNQRMPLIYVKLYTYQIFRALSYIHRCIGVCHRD IKPQNLLVNPHTH QVKLCDFGS
SEQ ID NO:24 HYTSSNQRMPIFYVKLYTYQIFRGLAYIHTVPGVCHRDV KPNLLVDPLTHQVKLCDFGS

241
SEQ ID NO:10 AKVLVKGEPNISYICSRYYRAPELIFGATEYTTAIDVGSAGCVLAELL LGQPLFPGESGV
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:14 AKVLVKGEPNISYICSRYYRAPELIFGATEYTTAIDVWSAGCVLAELL LGQPLFPGESGV
SEQ ID NO:16 AKVLVPGE PNIAIYICSRYYRAPELIFGATEYTTSIDIWSAGCVLAELL LGQPLFPGETAV
SEQ ID NO:21 AKVLVKGEPNISYICSRYYRAPELIFGATEYTTAIDVWSAGCVLAELL LGQPLFPGESGV
SEQ ID NO:22 AKVLVKGEPNISYICSRYYRAPELIFGATEYTTAIDIWSAGCVLGELL LGQPLFPGESGV
SEQ ID NO:23 AKVLVKGEPNISYICSRYYRAPELIFGATEYTTAIDVWSAGCVLAELL LGQPLFPGERGV
SEQ ID NO:24 AKVLVKGEPNISYICSRYYRAPELIFGATEYTTASIDIWSAGCVLAELL LGQPLFPGENSV

```

Figure 2 (cont'd.)

	301	360
SEQ ID NO:10	DQLVEIIKVLGTPTREEIKCMNPNYTEFKFPQIKAHPPWHKIFHKRMPAEAVDLVSRLQY	
SEQ ID NO:12	-----	
SEQ ID NO:14	DQLVEIIKVLGTPTREEIKCMNPNYTEFKFPQIKAHPPWHKIFHKRMPPEAVDLVSRLQY	
SEQ ID NO:16	DQLVEIIKVLGTPTREEIRCMNPNYTEFRFPQIKAHPPWHKIFHKRMPAEIDLASRLQY	
SEQ ID NO:21	DQLVHIIKVLGTPTREEIKCMNPNYTEFKFPQIKAHPPWHKIFHKRMPPEAVDLVSRLQY	
SEQ ID NO:22	DQLVEIIKVLGTPTREEIKCMNPNYTEFKFPQIKAHPPWHKIFHKRMPPEAVDLVSRLQY	
SEQ ID NO:23	DQLVEIIKVLGTPTREEIKCMNPNYTEFKFPQIKAHPPWHKIFHKRMPAEAVDLVSRLQY	
SEQ ID NO:24	DQLVEIIKVLGTPTREEIRCMNPNYTDFRFPQIKAHPPWHKVFHKRMPPEAIDLASRLQY	
	361	420
SEQ ID NO:10	SPKLRSTALEALVHPF-FDEL RDPNTRL PNGRFLPPLFNFKPHELKNVPADFMVKLVPEH	
SEQ ID NO:12	-----	
SEQ ID NO:14	SPNLRCTVLDALDAPFPLDEF RDPNRL PNGPIXPTTINSNP-----	
SEQ ID NO:16	SPNLRCTALDACAHSF-FDELREP NARLPNGRFPFPPLFNFKP-ELANASPELINRLVPEH	
SEQ ID NO:21	SPNLRSAALDTLVHPF-FDEL RDPNARLPNGRFLPPAFHF KPELKGVPLEMVAKLVPEH	
SEQ ID NO:22	SPNLRSTALEALVHPF-YDDVRDPNTRL PNGRFLPPLFNFKVNELKGVP AEMLVKLVPPH	
SEQ ID NO:23	SPNLRCAALDCLTHPF-FDEL RDPNARLP TGRFLPPLFNFKPHELKGVPVETLMKLVPEH	
SEQ ID NO:24	SPSLRCTALEACAHPF-FNELREP NARLPNGRPLPPLFNFKQ-ELGGASME LINRLIPEH	
	421	434
SEQ ID NO:10	ARKQCAF---VGW-	
SEQ ID NO:12	-----	
SEQ ID NO:14	-----	
SEQ ID NO:16	VRRQNGPNFAHAGS	
SEQ ID NO:21	ARKQCPW---LGL-	
SEQ ID NO:22	ARKQCAL---FGSS	
SEQ ID NO:23	ARKQCPF---LGL-	
SEQ ID NO:24	VRRQMSTGLQN--S	